

Pelagische vissen

van de Zuidelijke Oceaan



Isolatie van de Zuidelijke Oceaan door het Antarctisch Polair Front gedurende de laatste 31 miljoen jaar heeft geleid tot een diverse fauna met een hoge mate van endemisme, dit wil zeggen dat de lokale soorten nergens anders ter wereld voorkomen. De koude temperaturen van de zee (lokaal tot -2°C) zorgden voor unieke biologische aanpassingen zoals de aanwezigheid van antivries glycopeptiden en de afwezigheid van rode bloedlichaampjes bij vissen. Historische extincties liggen aan de basis van een verarmde maar heel karakteristieke visfauna van een 300-tal soorten. Het opvallend laag aantal predatoren ligt op zijn beurt aan de basis van een rijke bodemfauna van sponzen, kreeftachtigen en stekelhuidigen. De KU Leuven heeft in het kader van het Belpo-project PELAGANT ingezet op het onderzoek van de pelagische vissen van de Zuidelijke Oceaan.

Een eerste vraag die zich stelt is het eenduidig herkennen van soorten, wat in het geval van eitjes en jonge levensstadia een grote uitdaging kan betekenen. Genetische methodes bieden uitstekende mogelijkheden om de vissen van de Zuidelijke Oceaan eenduidig te identificeren. Zo leverde een analyse op basis van tandemsequenties een onderscheid op tussen verschillende verwanten van het genus *Trematomus*. Een gestandaardiseerde methode om soorten te identificeren is DNA-barcoding. Ze maakt gebruik van een specifiek DNA-fragment - het mitochondriaal Cytochroom Oxidase I (COI) gen - dat afgelezen en vergeleken wordt met een elektronische bibliotheek van gekende COI-sequenties. Deze methode wordt ook gebruikt voor praktische doeleinden zoals het opvolgen van de visserij en de handel in visproducten. In het kader van het Internationaal Pooljaar 2008/09 heeft een samenwerking tussen de Census of Antarctic Marine Life (CAML), het project Marine Barcoding of Life (MARBOL – www.marinebarcoding.org) en het Canadees Centrum voor DNA-barcoding het mogelijk gemaakt om meer dan 20.000 monsters van de Antarctische mariene diversiteit behorend tot 2000 soorten en 18 fyla in kaart te brengen. DNA-barcoding heeft een aantal nieuwe soorten waaronder cryptische soortcomplexen ontdekt; dit zijn soorten die morfologisch heel sterk op elkaar lijken maar genetisch verschillen. De KU Leuven heeft voornamelijk bijgedragen met stalen van verscheidene levensstadia van pelagische en mesopelagische vissen. Pelagische vissen komen voor tot een diepte van 200 m, mesopelagische vissen tussen 200 en 1000 m.

De samenstelling van de pelagische visgemeenschap verschilt tussen de kustzone en de open zee. De kustzones worden gedomineerd door larvale stadia van Notothenoiden, een groep vissen die nagenoeg uitsluitend in de Zuidelijke IJszee voorkomt. De open zee wordt dan weer gekenmerkt door mesopelagische vissen, dit zijn doorgaans soorten van families die over de hele wereld voorkomen, maar hier vertegenwoordigd worden door een paar endemische soorten. Zowel in de kustgebieden als de open zee vormen vissen een belangrijke component van het ecosysteem.



Nototheniidae
© Anton Van de Putte

Zo vormen de kustgebonden pelagische Antarctische zilvervis *Pleuragramma antarcticum* en de Antarctische lantaarnvis *Electrona antarctica*, die in de open zee leeft, een belangrijk onderdeel van het menu van toppredatoren zoals walvissen, zeehonden en pinguïns. Onderzoek naar het dieet en de energie-inhoud van deze vissen maakt het mogelijk hun rol te begrijpen in het ecosysteem. Bij de meeste vissen zijn vet en oliën een belangrijke bron van energie. Maar *P. antarcticum* doet er iets anders mee: hij maakt gebruik van vetreserves in speciale vetzakjes om zijn soortelijk gewicht bij te sturen ter vervanging van de zwemblaas. Hoewel het algemeen aanvaard is dat de energie-inhoud van soorten verschilt, wat belangrijke gevolgen heeft voor het functioneren van het voedselweb (vette soorten zijn energierijk), moet er ook rekening mee gehouden worden dat oudere dieren een hogere energie-inhoud hebben dan jonge dieren. Deze nieuwe inzichten dragen bij tot een objectieve kennis van de structuur en de dynamiek van het Antarctisch voedselweb, en dus ook tot de invloed van menselijke ingrepen zoals visserij en stijgende temperaturen. In de toekomst zullen ze helpen bij het opstellen van zogenaamde Algemene Ecosysteemmodellen.



Pleuragramma antarcticum

© Anton Van de Putte



Electrona antarctica

© Anton Van de Putte

Genetische studies helpen dan weer om te begrijpen in welke mate organismen reageerden op veranderingen in het Antarctisch ecosysteem. De invloed van Pleistocene cycli op de populatiedynamiek gedurende de laatste 2 miljoen jaar wordt weerspiegeld in de patronen van genetische diversiteit. Zo krimpen tijdens periodes van grote ijsmassa's de kustzone en dus de leefgebieden voor sommige pelagische en demersale *Trematomus*-vissoorten. Soorten die in de waterkolom leven en een hoger dispersievermogen hebben, zijn doorgaans beter bestand tegen zulke schommelingen dan soorten die op de zeebodem leven. Ook de productiviteit verandert en het voedsel dat nodig is om populaties in stand te houden, wat op zijn beurt een weerslag heeft op de populatiedynamiek. De huidige genetische diversiteit van lantaarnvissen en ijsvissen wijst op een hoge en stabiele diversiteit, wat vertaald kan worden in grote populaties.



Ijsvis

© Anton Van de Putte

De genetische structuur van deze circumpolaire soorten is zwak, wat te verklaren valt door de homogenerende invloed van de circumpolaire stromingen. Anderzijds zorgen specifieke biologische kenmerken en kleinschalige fenomenen voor soortspecifieke lokale patronen. Zo zijn er aanwijzingen dat kustsoorten meer gesloten populaties vormen dan openzeesoorten, een gegeven dat aansluit bij waarnemingen wereldwijd. Op regionale schaal tonen de eerste analyses dat de populaties van het gebied van het Antarctisch schiereiland zich onderscheiden van de rest van de Zuidelijke Oceaan. In analogie met studies in het noordelijk halfrond worden subtiele populatiepatronen verwacht die soms terug te brengen zijn tot adaptatie aan de lokale omstandigheden. Gezien de huidige klimaatveranderingen staat juist het adaptatievermogen van Antarctische soorten onder zware druk.



© Anton Van de Putte



Paradiplospinus gracilis
© Anton Van de Putte

Het ecosysteem van de Zuidelijke Oceaan ondergaat grote veranderingen onder invloed van de mens. Zo zet de ineenstorting van de populaties van zeehonden in het begin van vorige eeuw, gevolgd door - in volgorde - grote walvissen, kleine walvissen, sommige vissen en recent krill, grote druk op het ecosysteem en stelt vragen bij de duurzaamheid van de exploitatie. Het beheer staat voor zeer grote uitdagingen. De KU Leuven integreert haar biologische expertise in het natuurbehoud op twee vlakken: de identificatie en tracerings van vissen en visproducten, en de ruimtelijke planning voor natuurbehoud ('Spatial Conservation Planning'). Zoals vermeld brengen moleculaire technieken, gekend als DNA-barcoding, vissen en visproducten met hoge betrouwbaarheid op naam. De laatste ontwikkelingen in de moleculaire genetica maken het nu ook mogelijk om de oorsprong van een vis of visproduct te bepalen. Terwijl dit voorlopig slaat op een tiental economische soorten, zal dit in de toekomst uitgebreid worden met een groter aanbod aan vissen, wellicht inclusief Antarctische soorten. Gedetailleerde ruimtelijke en temporele genetische informatie maakt het ook mogelijk een inschatting te maken van twee belangrijke parameters, de effectieve populatiegrootte en de connectiviteit van organismen. De effectieve populatiegrootte is een maat voor het aantal individuen dat effectief bijdraagt tot de nakomelingen en is vele malen kleiner dan de getelde populatiegrootte. De connectiviteit slaat op de mate waarin organismen tijdens hun levensloop van hun omgeving gebruik maken. Het betreft cruciale informatie om de oppervlakte, de structuur en de spatiëring van beheerde zones te bepalen zodat fragmentatie van de leefgebieden van mariene soorten vermeden wordt. Aansluitend onderzoek levert overtuigend bewijs dat rust-gebieden zorgen voor het voortbestaan van populaties, soorten, gemeenschappen en ecosystemen op een ecologische en evolutionaire schaal.

De auteurs

Filip A.M. Volckaert is verbonden aan het Laboratorium voor Biodiversiteit en Evolutionaire Genomica van de KU Leuven. Anton P. Van de Putte is verbonden aan het Koninklijk Belgisch Instituut voor Natuurwetenschappen.



Gymnodraco acuticeps
© Anton Van de Putte